

УДК 575:582.5

К. А. Коваленко¹,
О. Е. Валуйских², Д. М. Шадрин²

¹Сыктывкарский государственный университет им. Питирима Сорокина,
167000, Россия, г. Сыктывкар, ул. Петрозаводская, 12,
Kirakovalenko826@gmail.com,

²Институт биологии Коми НЦ УрО РАН,
167000, Россия, г. Сыктывкар, ул. Коммунистическая, 24,
valuysskikh@ib.komisc.ru

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ОХРАНЯЕМОГО В РЕСПУБЛИКЕ КОМИ ВИДА *PARRYA NUDICAULIS* (L.) BOISS. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ITS2

Ключевые слова: *Parrya nudicaulis*, ITS2, ДНК-штрихкодирование.

В настоящее время методы молекулярной идентификации, в частности – ДНК-штрихкодирование, активно применяются специалистами в области биоразнообразия и защиты исчезающих видов растений. Среди принятых для растений молекулярных маркеров, используемых в видовой идентификации растений, наиболее часто используется последовательность внутреннего транскрибируемого спейсера ядерной ДНК – ITS2 [1, 2]. Настоящая работа направлена на оценку возможности использования нуклеотидной последовательности ITS2 для идентификации охраняемого в Республике Коми вида растений – *Parrya nudicaulis* (L.) Boiss. (Brassicaceae). Это многолетнее травянистое поликарпическое растение с новоземельско-уральско-азиатско-западно-американским ареалом [2]. В Республике Коми *P. nudicaulis* спорадически встречается на Полярном и Приполярном Урале в горных тундрах и подлежит охране [4].

Для получения нуклеотидной последовательности ITS2 и проведения молекулярно-генетического анализа использован гербарный образец *P. nudicaulis* (лист), собранный в 2017 году на Северном Урале (Республика Коми). ПЦР фрагмента ITS1-5.8s-ITS2. Для амплификации фрагмента ITS2 были использованы прямой и обратный праймеры ITS5 и ITS4, соответственно. В сравнительном анализе последовательностей ITS2 для видов рода *Parrya*, также использовали нуклеотидные последовательности, взятые из базы данных NCBI [5]. Выравнивание и последующий анализ последовательностей проводили в программе MEGA X [6].

Для построения филогенетического дерева использовано 27 последовательностей представителей рода *Parrya*, в том числе пять последовательностей для *P. nudicaulis* из разных частей ареала (Чукотка, Аляска, Канада и Тибет) и новая последовательность с Северного Урала. Установлено, что на филогенетическом дереве все образцы *P. nudicaulis* сгруппированы к отдельному кладу.

Для ITS2 региона отмечена низкая вариабельность: последовательности практически полностью идентичны и имеют лишь несущественные различия в виде небольшой делеции и одной парсимони-информативной замены.

Таким образом, нами выявлено, что в базе данных NCBI представлено достаточно большое число последовательностей ITS2 для видов рода *Parrya*, в том числе для охраняемого

в Республике Коми вида *P. nudicaulis*. Получена последовательность ITS2 для *P. nudicaulis* с Северного Урала (Республика Коми) и показано положение анализируемого образца на филогенетическом дереве среди видов рода *Parrya*. Сравнительный анализ последовательностей ITS2 у представителей данного рода позволили идентифицировать гербарный образец с Северного Урала как *P. nudicaulis*.

Работа выполнена в рамках государственного задания по теме «Разнообразие растительного мира западного макросклона Приполярного Урала» (№ АААА–А19–119011790022–1).

Список литературы

1. Rashmi K. V., Sathyanarayana N., Vidya S. M. // Plant Gene. 2017. Vol. 12. P. 98–104.
2. Zhou Y., Du X., Zheng X. et al. // Biochemical Systematics and Ecology. 2017. Vol. 70. P. 177–185.
3. Секретарева Н. А. Сосудистые растения Российской Арктики и сопредельных территорий. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2004. 131 с.
4. Красная книга Республики Коми. Сыктывкар: ООО «Коми республиканская типография», 2019. 768 с.
5. NCBI (2020) National Center for Biotechnology Information. [Published on-line] URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (date of access: 30.09.2020).
6. Kumar S., Stecher G., Li M. et al. // Molecular Biology and Evolution. 2018. Vol. 35(6). P. 1547–1549.